

Table I: Cloning of Human kinesins

Human kinesin	Published Seq: Accession #s & Publication Ref.	Primers for cDNA cloning: 5' primer (SEQ ID: NO) 3' primer (SEQ ID: NO)	Nucleo- tides Included	cDNA Source
Chromo- kinesin	AF071592 1165722(GSDB – partial)	RACE AP1 primer (Clontech) CCAAACAGGAAACAGTATCCAAGGCAACC (SEQ ID NO:1)	<1-193	Marathon- Ready HeLa (Clontech)
		TGCCCATCTCGTGAGAAAGC (SEQ ID NO:2) GCTTGACGGAGAGCATGCTG (SEQ ID NO:3)	76-1178	HeLa (Our prep)
		ATTGATTACCCAGTTATCGG (SEQ ID NO:4) TGATGACTCCAACTTCAGTG (SEQ ID NO:5)	1032- 3326	HeLa (Our prep)
Kin-2	Y08319	GCCGAATAACATCAAGCAATGGTAAC (SEQ ID NO:6) TCTGGGTATCCTTAGCAGCAAATG (SEQ ID NO:7)	2-2088	Breast tumor (Invitrogen)
MKLP1	X67155 Nislow, et al. 1992	AGCCATGTTGTCAGCGAGAGCTAAG (SEQ ID NO:8) AGGGTCTCTGGCTCTCAGTTTAGG (SEQ ID NO:9)	73-2078	human placenta (Invitrogen)
KSP	U37426	CCTTGATTTGGCGGGGACCGTC (SEQ ID NO:10) AAAGGTTGATCTGGCTCGCAGAGG (SEQ ID NO:11)	66-3259	breast tumor (Invitrogen)
CENP-E	Z15005 Yen, et al. 1992			
MCAK	U63743 Kim, et al. 1997	GCGTTCTCTCCTTGCTGACTCTC (SEQ ID NO:12) AGAGGCTGGGTGTCAAACCAACAG (SEQ ID NO:13)	22-2274	breast tumor (Invitrogen)
Kid	AB017430	GTCGCTGCGGCTAACGCAAG (SEQ ID NO:14) CTTGCCCCCTGTGACTGTGC (SEQ ID NO:15)	101-1596	breast tumor (Invitrogen)
		CTGGATCCCAGCCGCGGGCGGCTCGACG CAG (SEQ ID NO:16) CTCTAGAGAGCAGCTGTCCATGCC (SEQ ID NO:17)	28-248	HeLa (our prep)
HSET	D14678 (partial)	GGGCTTGGTGCAAGAGCTTC (SEQ ID NO:18) CACCCCTCACCCGATACATAGAC (SEQ ID NO:19)	213-1624	HeLa (our prep)

ATSV	X90840	GGGCTCCCACTACTGCGAGG (SEQ ID NO:20) CTCCTCCTCGTTCACCTCCG (SEQ ID NO:21)	21-2311	WERI (our prep)
------	--------	--	---------	-----------------

The paragraph beginning on page 35, line 18, has been amended as follows:

pET23d (Novagen 69748-3) encodes a T7 epitope tag 5' of the polylinker cloning site and a 6-His tag 3' of the polylinker cloning site. We constructed pET23dmvc by inserting the annealed oligonucleotides described below into the Xhol site of pET23d. This creates coding sequence for the myc epitope tag in-frame with the 6-His tag.

Annealed oligonucleotides for pET23dmvc:

sense: TCGAGGGTACCGAGCAGAAGCTGATCAGCGAGGAGGGACCTGA
(SEQ ID NO:22)

antisense: TCGATCAGGTCCCTCGCTGATCAGCTTGCTCGTACCC
(SEQ ID NO:23)

Table 2, beginning on page 37, has been amended as follows

Table II: Subcloning of Human kinesins into Bacterial Expression Plasmids:

Kinesin	Construct Name	5' primer (SEQ ID NO) 3' primer (SEQ ID NO)	Residues Included	Cloning sites	Host Vector
Chromo-kinesin	K335	TAGCCATGGAAGAGGTGAAGGAAATT (SEQ ID NO:24) CCGCTCGAGTTTCTTGCTCTGTC (SEQ ID NO:25)	E2-K335	5': Ncol 3': Xhol	pET23dmvc
Chromo-kinesin	Q475	TAGAACGCTTGGAAAGAGGTGAAGGG (SEQ ID NO:26) TAGAACGCTTCTGGTAATCAATTG (SEQ ID NO:27)	E2-Q475	5': Hind III 3': HindIII	pET23dmvc
Chromo-kinesin	D679	TAGAACGCTTGGAAAGAGGTGAAGGG (SEQ ID NO:28) TAGAACGCTTGTCTCGTTCTTTAAC (SEQ ID NO:29)	E2-D679	5': Hind III 3': HindIII	pET23dmvc
Chromo-kinesin	FL1	TAGAACGCTTGGAAAGAGGTGAAGGG (SEQ ID NO:30) TAGAACGCTTGTGGGCCTCTTCG (SEQ ID NO:31)	E2-H1229	5': Hind III 3': HindIII	pET23dmvc
Kin2	P166	TACGGATCCCAAATTATGAAATTATG (SEQ ID NO:32) TACAAGCTTAGCAGTTGGATCTACAGTC	P166-A532	5': BamHI 3': HindIII	pET23dmvc

		(SEQ ID NO:59)			
MCAK	M1	CTGGATCCGGAGGAAATCATGTCTTGTGAAG (SEQ ID NO:60) CACTCGAGTGBAATCAGCGCCCCGTAGAG (SEQ ID NO:61)	R189-P617	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
MCAK	M2	CTGGATCCCAAACGGAAATTGCCCGAATG (SEQ ID NO:62) CACTCGAGTGBAATCAGCGCCCCGTAGAG (SEQ ID NO:63)	P228-P617	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
MCAK	M3	CTGGATCCACAGAACATGTGTCTGTGTTAGG (SEQ ID NO:64) CACTCGAGTGBAATCAGCGCCCCGTAGAG (SEQ ID NO:65)	H257-P617	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
MCAK	M4	CTGGATCCGGAGGAAATCATGTCTTGTGAAG (SEQ ID NO:66) CACTCGAGTGGTCCTTGCTGTATGATCTC (SEQ ID NO:67)	R189-P660	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
MCAK	M5	CTGGATCCCAAACGGAAATTGCCCGAATG (SEQ ID NO:68) CACTCGAGTGGTCCTTGCTGTATGATCTC (SEQ ID NO:69)	P228-P660	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
MCAK	M6	CTGGATCCACAGAACATGTGTCTGTGTTAGG (SEQ ID NO:70) CACTCGAGTGGTCCTTGCTGTATGATCTC (SEQ ID NO:71)	H257-P660	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
MCAK	FL3	CTCCATGGACTCGTCGCTTCAGGCCGC (SEQ ID NO:72) CTCTCGAGCTGGGCCGTTCTGCTGCTTATTG (SEQ ID NO:73)	M3-Q725	5': Ncol 3': Xhol	pET23dmyc
Kid	A2N370	CTGGATCCCAGCCGCGGGCGGCTGACGCAG (SEQ ID NO:74) CACTCGAGATTGATCACCTCCTGGACCTG (SEQ ID NO:75)	A2-N370	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
Kid	A2M511	CTGGATCCCAGCCGCGGGCGGCTGACGCAG (SEQ ID NO:76) CACTCGAGCATTGTGGGACAATGGTTCTC (SEQ ID NO:77)	A2-M511	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
HSET	K519	TCGGATCCTGGTGCAAGAGCTTCAG (SEQ ID NO:78) CACTCGAGCTCCTGTTGGCCTGAGC (SEQ ID NO:79)	L72-K519	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc
HSET	E152.2	CATGCCATGGAACTCAAGGGCAAC (SEQ ID NO:80) CACTCGAGCTCCTGTTGGCCTGAGC (SEQ ID NO:81)	E152-K519	5': Ncol 3': Xhol	pET23d
HSET	Q151.3	GGATATCCATATGCAGGAACTCAAGGGCAAC (SEQ ID NO:82) GCAGGATCCTCACTCCTGTTGGCCTGAG (SEQ ID NO:83)	Q151-K519	5': Ndel 3': BamHI	pET15b
ATSV	Q353	CTGGATCCCCGGGGCTTCGGTAAGGTGGCG (SEQ ID NO:84) CACTCGAGCTGCTTGGCCCCGGTCAGCATA (SEQ ID NO:85)	G3-Q353	5': BamHI 3': Xhol	pET23dmyc

(SEQ ID NO:33)					
Kin2	H195	TACGGATCCATAGGATATGTGTGTG (SEQ ID NO:34) TACAAGCTTAGCAGTTGGATCTACAGTC (SEQ ID NO:35)	H195-A532	5': BamHI 3': HindIII	pET23dmyc
Kin2	FL2	CTCCATGGTAACATCTTAAATGAAGATAATG (SEQ ID NO:36) CTAAGCTTAAGGGCACGGGTCTTCGGTTG (SEQ ID NO:37)	M1-L679	5': Ncol 3': HindIII	pET23dmyc
MKLP1	E433	ATCCATGGCGAGAGCTAACGACACCCCGGAAACC (SEQ ID NO:38) ATGCGGCCGCTTCTTGAGTCACTTCCGCAAATCTC (SEQ ID NO:39)	A4-E433	5': Ncol 3': NotI	pET23dmyc
MKLP1	R494	ATCCATGGCGAGAGCTAACGACACCCCGGAAACC (SEQ ID NO:40) ATGCAGGCCGCCCCCTGGAAAGTGTCTGCTCATCGTTG (SEQ ID NO:41)	A4-R494	5': Ncol 3': NotI	pET23dmyc
MKLP1	E658	ATCCATGGCGAGAGCTAACGACACCCCGGAAACC (SEQ ID NO:42) ATGCAGGCCGCTTCAGTAACAATAGCCTTCAGTTG (SEQ ID NO:43)	A4-E658	5': Ncol 3': NotI	pET23dmyc
KSP	L360	ATCCATGGCGTGCAGCCAAATTCTGCTCTGCG (SEQ ID NO:44) ATCTCGAGCAATATGTTCTTGCTCTATGAGC (SEQ ID NO:45)	M1-L360	5': Ncol 3': Xhol	pET23dmyc
KSP	K491	ATCCATGGCGTGCAGCCAAATTCTGCTCTGCG (SEQ ID NO:46) ATCTCGAGTTCTCCTCAGTACTTCCAAAGC (SEQ ID NO:47)	M1-K491	5': Ncol 3': Xhol	pET23dmyc
KSP	S553	ATCCATGGCGTGCAGCCAAATTCTGCTCTGCG (SEQ ID NO:48) ATCTCGAGGCTGCATCCTAATTAAATTCTCC (SEQ ID NO:49)	M1-S553	5': Ncol 3': Xhol	pET23dmyc
CENP-E	M329	CTGGATCCCGGGAGGAAGGAGCCGTGGCC (SEQ ID NO:50) CACTCGAGCATATTTAGCAGTACTGGC (SEQ ID NO:51)	A2-M329	5': BamHI 3': Xhol	pET23d
CENP-E	T340	CTGGATCCCGGGAGGAAGGAGCCGTGGCC (SEQ ID NO:52) CACTCGAGAGTTGATACTCATTAACATAAGGAG (SEQ ID NO:53)	A2-T340	5': BamHI 3': Xhol	pET23d
CENP-E	S405	CTGGATCCCGGGAGGAAGGAGCCGTGGCC (SEQ ID NO:54) CACTCGAGAGAAGAGGTACCCAGCATCCG (SEQ ID NO:55)	A2-S405	5': BamHI 3': Xhol	pET23d
CENP-E	V465	CTGGATCCCGGGAGGAAGGAGCCGTGGCC (SEQ ID NO:56) CACTCGAGGACAGATTCAATTCTCG (SEQ ID NO:57)	A2-V465	5': BamHI 3': Xhol	pET23d
CENP-E	T488	CTGGATCCCGGGAGGAAGGAGCCGTGGCC (SEQ ID NO:58) CACTCGAGTGTGCTGGATTCCATTCTATC	A2-T488	5': BamHI 3': Xhol	pET23d